

Figure 1

1 gaatgaat gaaactagtta ccacaactag tacacccaaa atgaacaaaa

49 aatagcttgg tggataaatt aaaatgccac caaaatttat acaataatta tattttcttt

109 ttgcaggaaa aagattagac cacatataat gtaacttatt tcacaaggta aataattata

169 ataaataata tggattaact gagtttttaa aggtgaaata aataatgaat tcttctcatg

229 gtcttgtatg ttaataaaaa ttgaaaaatt ttgaagaccc cattttgtcc caagaatttc

289 atttacaggt attgaatttt tcaaaggtta caaaggaaat tttattgata taataaatgc

349 atgttctcat aataaccata aatctagggt tttgttgggg ttttttttg tttgttaatt

409 tagaacaatg ccattccatt tctgtataa tgagtcactt ctttgttgta aactctcctt

469 agaatttctt gggagaggaa ctgaacagaa cattgatttc ctatgtgaga gaattcttag

529 aatttaaata aacctgttgg ttaaactgaa accacaaaat tagcatttta ctaatcagta

589 ggtttaaata gcttgggaagc aaaagtctgc ▼ catcaccttg atcatcaac cagcttgcctg

649 cttcttccca gtcttgggtt caaggattta tgtatacata taacaaaatt tctatgattt

709 tctctgtct catctttcat tcttcaactaa tacgcagttg taacttttct atgtgattgc

769 aagtattggt actttcctat gatatactgt tagcttaaaa atatatttgc aaatgttgat

829 actatctatc tcagagctat aggtgaaaaa ttaaatactt ttataaagac caaattgatc

889 atttttaaac gaaattctta tatactgaaa atgtagatac ataacttcag tatagattta

949 tggtaaaata atttgaatca ttttgtcaa attctgtaaa aagttgtcat acagaataat

1009 ttataatatt tttgttttca tagaaataac attt ctggta gaataattca agg 1061

▼ indicates the start of exon 1

10/524295

Figure 2

Sequence alignment of the 4 alleles						
Variations in transcription factor binding sites are marked with boxes						
	10	20	30	40	50	
Allel_1	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_2	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_3	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_4	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
	60	70	80	90	100	
Allel_1	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAGTTTATAC	AATAATTGTA 100
Allel_2	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
Allel_3	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
Allel_4	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
	110	120	130	140	150	
Allel_1	101	TTTTCTTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACCTATTTT 150
Allel_2	101	TTTTCTTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACCTATTTT 150
Allel_3	101	TTTTCTTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACCTATTTT 150
Allel_4	101	TTTTCTTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACCTATTTT 150
	160	170	180	190	200	
Allel_1	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTTAAAG 200
Allel_2	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTTAAAG 200
Allel_3	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTTAAAG 200
Allel_4	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTTAAAG 200
	210	220	230	240	250	
Allel_1	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAATT 250
Allel_2	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAATT 250
Allel_3	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAATT 250
Allel_4	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAATT 250
	260	270	280	290	300	
Allel_1	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTCT	TTACAGGTAT 300
Allel_2	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
Allel_3	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
Allel_4	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
	310	320	330	340	350	
Allel_1	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_2	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_3	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_4	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
	360	370	380	390	400	
Allel_1	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTT--GTTT 400
Allel_2	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTTGTTT 400
Allel_3	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTT---- 400
Allel_4	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTT---- 400
	410	420	430	440	450	
Allel_1	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTT	CTGTATAATG	AGTCTCTTCTT 450
Allel_2	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTT	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
Allel_3	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTT	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
Allel_4	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTT	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
	460	470	480	490	500	
Allel_1	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_2	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_3	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_4	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500

AP-1

YY-1

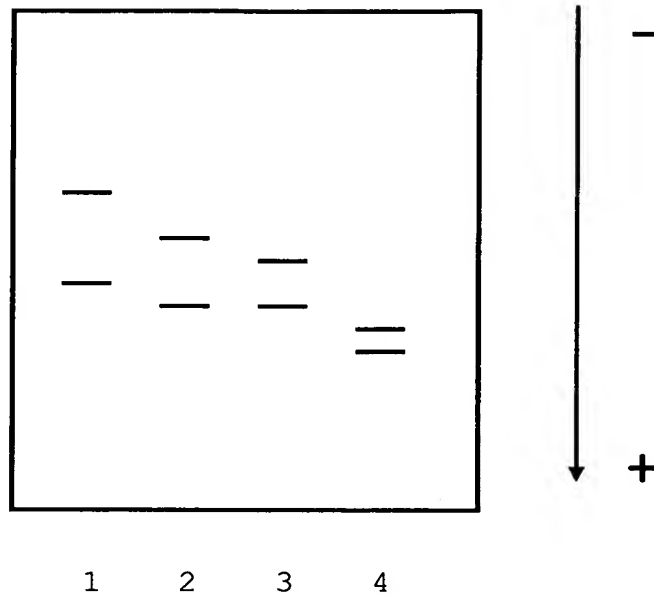
ABF1

Figure 2 (continued)

	510	520	530	540	550	
Allel_1	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_2	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_3	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_4	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
	560	570	580	590	600	
Allel_1	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_2	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_3	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_4	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
	610	620	630	640	650	
Allel_1	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_2	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_3	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_4	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
	660	670	680	690	700	
Allel_1	651 TCTT					
Allel_2	651 TCTT					
Allel_3	651 TCTT					
Allel_4	651 TCTT					

10/524295

Figure 3



10/524295

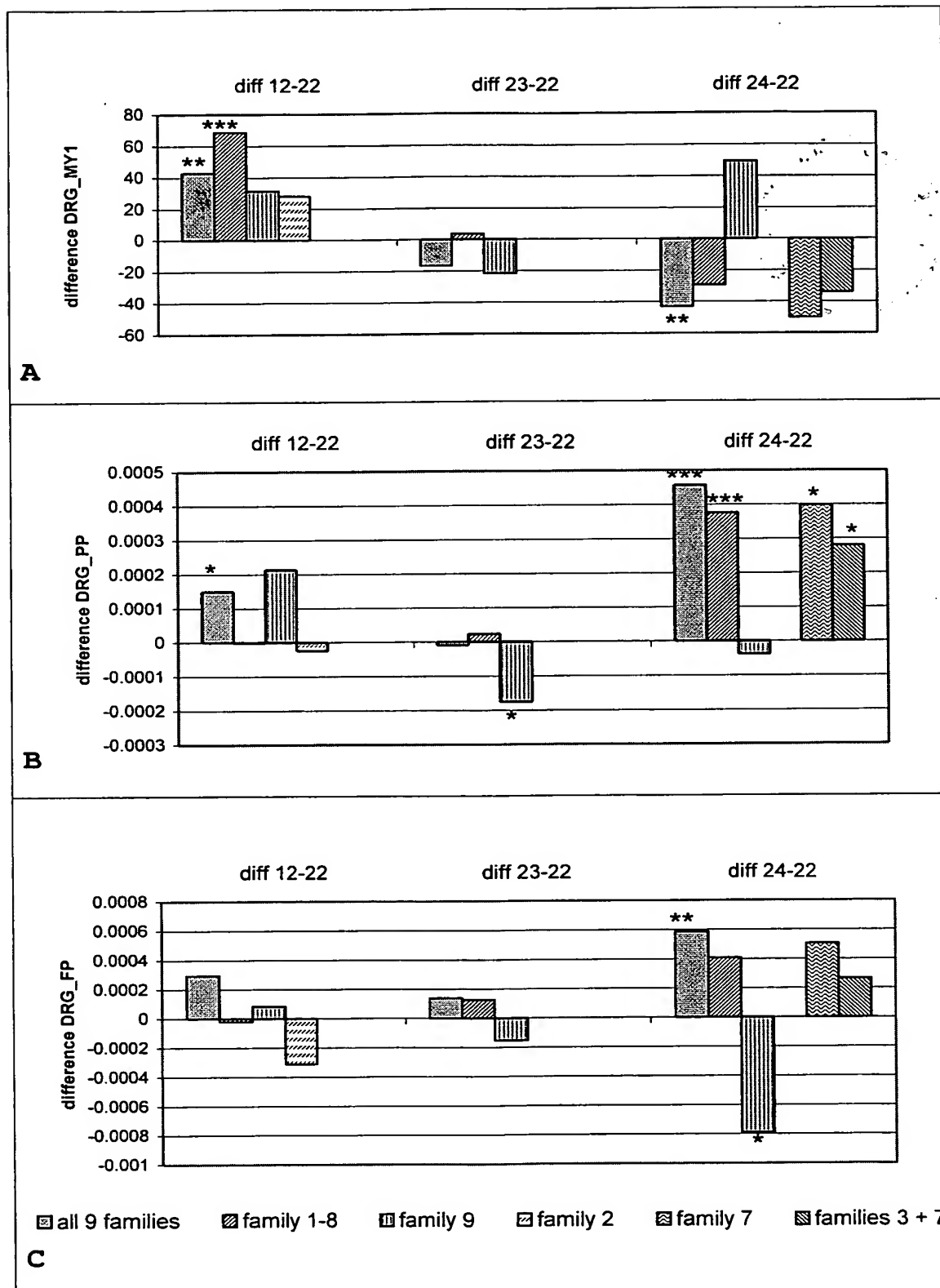


Figure 4